



⑩ BUNDESREPUBLIK  
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES  
PATENTAMT

⑫ Offenlegungsschrift  
⑩ DE 198 08 258 A 1

⑮ Int. Cl.<sup>6</sup>:  
**C 07 K 14/435**  
C 07 K 7/06  
C 07 K 7/08  
A 61 K 38/17  
A 61 K 38/10  
A 61 K 38/08

⑯ Aktenzeichen: 198 08 258.4  
⑯ Anmeldetag: 27. 2. 98  
⑯ Offenlegungstag: 3. 9. 98

DE 198 08 258 A 1

⑯ Innere Priorität:  
197 08 134. 7 28. 02. 97  
197 29 490. 1 10. 07. 97

⑰ Erfinder:  
Schaller, Chica, Prof. Dr., 22301 Hamburg, DE;  
Hampe, Wolfgang, Dr., 22846 Norderstedt, DE

⑱ Anmelder:  
EVOTEC BioSystems GmbH, 22529 Hamburg, DE  
⑲ Vertreter:  
Patentanwälte von Kreisler, Selting, Werner et col.,  
50667 Köln

**Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen**

- ⑳ Kopfaktivator-bindendes Protein oder Polypeptid und Verfahren zur Suche nach funktionalen Agonisten oder Antagonisten unter Verwendung von kopfaktivatorbindendem Protein oder Polypeptid  
㉑ Kopfaktivator-bindendes Protein oder Polypeptid, erhältlich durch Isolierung aus Chlorohydra viridisima durch Anreicherung und Reinigung mittels chromatographischer Methoden, insbesondere Affinitätschromatographie mit Kopfaktivator als Affinitätsligand sowie Charakterisierung des erhaltenen Proteins oder Polypeptids durch Bindung von Kopfaktivator.

*fmk 5 set #13*

DE 198 08 258 A 1

# DE 198 08 258 A 1

## Beschreibung

Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Kopfaktivatorbindendes Protein oder Polypeptid, ein Verfahren zur Suche nach funktionalen Agonisten oder Antagonisten sowie nach dem erfindungsgemäßen Verfahren erhältliche Wirkstoffe.

5 Süßwasserpolypen (Hydra ssp.) zeichnen sich durch ein erstaunliches Regenerationsvermögen aus. Wie durch die Arbeitsgruppe um Chica Schaller gezeigt wurde, ist das Regenerationsvermögen mit der Ausschüttung von bestimmten Peptiden verbunden. So konnte ein Peptid isoliert werden, welches für die Regeneration des Polypenkopfes verantwortlich ist. Dieses Peptid wurde als Kopfaktivator bezeichnet. Der Kopfaktivator ist in seiner Struktur aufgeklärt (Europäisches Patent 0 064 302). Es handelt sich um ein Peptid von 11 Aminosäuren Länge. Ein Peptid mit identischer Sequenz wurde auch aus Rattendärmen sowie aus dem Hypothalamus von Mensch und Rind isoliert. Im Säugetiernervensystem wirkt der Kopfaktivator als Wachstumsfaktor während der Embryonalentwicklung und hat im adulten Gehirn neuroprotektive Funktionen.

10 In der deutschen Patentanmeldung 196 54 623.0 wird die Verwendung des Kopfaktivators zur Herstellung eines Arzneimittels zur prophylaktischen und/oder therapeutischen Behandlung neurodegenerativer Erkrankungen beschrieben. Es ist daher von Interesse, ein System bereitzustellen, mit dem es ermöglicht wird, andere Stoffe zu entwickeln, die entweder bereits als Naturstoffe existieren oder synthetisch hergestellt werden sollen, um das Wirkungsspektrum dieser Wirkstoff-klasse systematisch zu erfassen und gegebenenfalls wirksamere oder therapeutisch besser einsetzbare Substanzen zu erhalten.

15 20 Überraschenderweise wird dieses Ziel durch das Verfahren der vorliegenden Erfindung erreicht. Das erfindungsgemäße Verfahren weist die im Anspruch 6 genannten Merkmale auf. Die Unteransprüche 7 bis 16 betreffen bevorzugte Ausführungsformen des erfindungsgemäßen Verfahrens.

Das im erfindungsgemäßen Verfahren zu verwendende Protein oder Polypeptid ist mithin auch Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25 30 35 Überraschenderweise wurde ein Kopfaktivator-bindendes Protein nunmehr durch Isolierung aus Chlorohydra viridisima durch Anreicherung und Reinigung mittels chromatographischer Methoden, insbesondere Affinitätschromatographie mit Kopfaktivator als Affinitätsligand, erhalten. Der Kopfaktivator wurde gemäß Ausführungsbeispiel 1 an eine Vielzahl verschiedener aminoreaktiver Matrices gekoppelt. Eine dieser Matrices (Kopfaktivator gekoppelt an aktivierte CH-Sepharose P, sog. "KA-Sepharose") band mit hoher Affinität an das solubilisierte KA-Protein aus der Hydra-Membran. Es konnte somit ein 200 kDa Protein von der KA-Sepharose eluiert werden. Das gereinigte Protein wurde insbesondere durch Bindungsstudien mit Kopfaktivator sowie Derivaten des Kopfaktivators weiter charakterisiert. Die Glykosylierung des gereinigten 200 kDa Proteins wurde wie im Ausführungsbeispiel 1 beschrieben untersucht. Es zeigte sich, daß das Protein Kohlenhydrate enthält, von denen vermutlich einige Sialinsäuren sind. Die Entfernung N-verknüpfter Kohlenhydrate mittels N-Glykosidase F reduzierte die Molmasse des Proteins auf 180 kDa. Im Kohlenhydrat-Detectionsassay zeigte sich nur eine schwache Bande, was darauf schließen läßt, daß der Großteil der Glykosylierung über N-Verknüpfung erfolgt. Tabelle 1 gibt die mittels automatischem Edman-Abbau bestimmten Peptidsequenzen im Ein-Buchstaben-Code wider.

40 45 50 Weitergehende Analysen des erfindungsgemäß erhältlichen Proteins aus Hydra ssp. ergaben die in der Sequenzliste unter Seq.ID No.1 angegebene Aminosäuresequenz. Die oben beschriebenen Peptidsequenzen wurden verwendet, um degenerierte Oligonukleotide zu konstruieren. Mit Hilfe der Polymerasenkettenreaktion konnte ein Teil des Gens für das 200 kDa Protein amplifiziert werden. Screening in einer λ-cDNA-Bank und weitere Polymerasenkettenreaktionen vervollständigten die Nukleotidsequenz, die als Seq. ID No. 2 in der Sequenzliste angegeben ist. Das abgeleitete Protein enthielt alle elf sequenzierten Peptide und umfaßt einen offenen Leserahmen von 1661 Aminosäuren. Am Aminoende befand sich eine Signalsequenz für den Transport ins endoplasmatische Retikulum, 55 Aminosäuren vor dem Carboxyende war eine hydrophobe Region angeordnet, die als einzige für eine mögliche Transmembrandomäne kodieren kann. Vor der Transmembrandomäne lagen zwei Fibronectin Typ III Domänen. Anschließend bestand über einen Bereich von mehr als 600 Aminosäuren eine hohe Homologie zu den Typ A- und B-Bereichen aus der Klasse der Lipoproteinrezeptoren. Weitere 600 Aminosäuren zeigten starke Homologie zu Membranproteinen mit der Bezeichnung VPS10 aus der Hefe *S. cerevisiae*. Das sequenzierte Aminoende des Proteins befand sich 85 Aminosäuren hinter dem Startmethionin in einer Sequenz, die für eine mögliche Proteaseschnittstelle kodierte. Das reife Protein wird wahrscheinlich durch spezifische Proteolyse gebildet.

55 Die Fig. 1 zeigt in schematisierter Form die Struktur des Kopfaktivator-bindenden Proteins aus Hydra.

Insbesondere kann das Kopfaktivator-bindende Protein oder Polypeptid als komplexe Anordnung aus mindestens einem Kopfaktivator-bindenden Protein oder Polypeptid mit mindestens einem weiteren Protein oder Polypeptid vorliegen.

55 Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist weiterhin ein Kopfaktivator-bindendes Protein oder Polypeptid, welches mindestens innerhalb der Kopfaktivator-bindenden Domäne in mindestens einer Teilsequenz zu mindestens 90%, insbesondere zu mindestens 95%, homolog zu der Teilsequenz der Kopfaktivator-bindenden Domäne der in der Sequenzliste unter Seq. ID No. 1 angegebenen Aminosäuresequenz ist. In einer bevorzugten Ausführungsform besteht diese Teilsequenz aus mindestens 20 Aminosäuren.

60 Weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Verfahren zur Suche nach funktionalen Agonisten oder Antagonisten als Wirkstoffe durch Bestimmung der Eindungseigenschaften der in Frage kommenden Wirkstoffe oder in einer Probe befindlichen möglichen Wirkstoffe mit einem Protein oder Polypeptid nach einem der Ansprüche 1 bis 5.

65 In einer bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens sind die Wirkstoffe zur Therapie von mit neurodegenerativen Erscheinungen verbundenen Erkrankungen einsetzbar. Punktuelle Agonisten oder Antagonisten als Wirkstoffe werden durch Bestimmung der in Frage kommenden Wirkstoffe oder in der Probe befindlichen Wirkstoffe mit einem Rezeptor und/oder durch Messung einer rezeptor-vermittelten Veränderung in der zellulären Signalübertragung ermittelt, wobei als Protein nach einem der Ansprüche 1 bis 5 ein Kopfaktivator-bindender Rezeptor oder Rezeptorkomplex eingesetzt wird und die antagonistische oder agonistische Wirkung im Vergleich zum Kopfaktivator oder zu

# DE 198 08 258 A 1

Derivaten des Kopfaktivators getestet wird.

Es kann weiterhin bevorzugt sein, im erfindungsgemäßen Verfahren ein kopfaktivator-bindendes Protein oder Polypeptid in löslicher Form einzusetzen. Weiterhin ist es möglich, dieses in membranassozierter Form zu verwenden.

Vorzugsweise wird der verwendete Kopfaktivator aus Coelenteraten, insbesondere Hydra ssp. oder Anthopleura ssp., oder aus Säugern, insbesondere aus Rattendärmen oder dem Hypothalamus des Menschen oder des Rindes, gewonnen.

Das kopfaktivator-bindende Protein oder Polypeptid kann insbesondere die nachfolgend näher beschriebenen Domänen und/oder zu diesen Domänen homologe Domänen enthalten. Die luminaire Domäne des Hefeproteins (VPS10) wurde von Marcusson et al. (Cell, 77, 579–586, 1994) beschrieben. Die insbesondere durch das Tetrapeptid "YWTD" ausgewiesene Klasse-B-Domäne der Low Density Lipoprotein Rezeptoren wird im folgenden mit "LDLR-B" bezeichnet (Krieger und Herz, Annu. Rev. Biochem. 63, 601–637, 1994). Das von Bork et al. (Q. Rev. Biophys., 29, 119–167, 1996) beschriebene, dem epidermalen Wachstumsfaktor ähnliche Modul wird im folgenden mit "EGF" bezeichnet. Die durch die typische Anordnung von Cysteinen sowie weiterer konservierter Aminosäuren charakterisierten Klasse-A-Domänen der Low Density Lipoprotein Rezeptoren werden nachfolgend mit "LDLR-A" bezeichnet (Daly et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 92, 6334–6338, 1995). Fibronectin Typ III-Module werden im folgenden mit "FIII" bezeichnet (Bork et al., Q. Rev. Biophys., 29, 119–167, 1996). Die hydrophobe Transmembrandomäne wird nachfolgend mit "TM" bezeichnet, während die intrazelluläre Domäne durch die Abkürzung "IC" dargestellt wird.

In einer bevorzugten Ausführungsform weist das kopfaktivatorbindende Protein oder Polypeptid mindestens eine der nachfolgend aufgeführten Domänen und/oder mindestens eine zu diesen Domänen homologe Domäne und/oder Kombinationen hiervon auf: VPS10, LDLR-B, EGF, LDLR-A, FIII, TM und IC.

Die kopfaktivator-bindende Domäne des Proteins oder Polypeptids kann sich außerhalb oder innerhalb mindestens einer der Domänen vom Typ VPS10, LDLR-B, EGF, LDLR-A, FIII, TM und IC und/oder mindestens einer zu diesen Domänen homologen Domänen befinden.

Insbesondere besitzt das kopfaktivator-bindende Protein eine Anordnung der zu folgenden Domänen homologen Domänen: eine VPS10-Domäne, gefolgt von sechs LDLR-B-Domänen, einer EGF-Domäne, sieben LDLR-A-Domänen, zwei Domänen vom FIII-Typ, einer TM-Domäne und einer IC-Domäne. Ein Rezeptor mit derartiger Domänenanordnung ist insbesondere aus Hydra ssp. isolierbar.

In einer bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens wird ein kopfaktivator-bindendes Protein mit der in der Sequenzliste unter Seq. ID No. 1 genannten Aminosäuresequenz verwendet. Weitere Einzelheiten sind der Fig. 3 zu entnehmen.

Es kann weiterhin bevorzugt sein, ein kopfaktivator-bindendes Protein oder Polypeptid zu verwenden, welches mindestens innerhalb der kopfaktivator-bindenden Domäne in mindestens einer Teilsequenz zu mindestens 90%, insbesondere zu mindestens 95%, homolog zu der Teilsequenz der kopfaktivator-bindenden Domäne der in Anspruch 3 genannten Aminosäuresequenz ist. Diese Teilsequenz kann insbesondere eine Länge von mindestens zwanzig Aminosäuren aufweisen.

Die kopfaktivator-bindenden Proteine sind insbesondere aus Hydra ssp. oder Säugetiergebebe isolierbar. Es hat sich überraschenderweise gezeigt, daß das kopfaktivator-bindende Protein aus Hydra homolog ist mit aus Säugergewebe, insbesondere humanem Gewebe, isolierbaren Protein (Jacobsen et al., Journal of biological Chemistry, 271, 31379–31383, 1996). Die aus Hydra ssp. und humanem Gewebe isolierbaren Proteine sind in Fig. 2 gegenübergestellt, um deren Homologie darzustellen.

In situ Hybridisierungen wurden durchgeführt, um das Expressionsmuster des Säugetierhomologs im Gehirn näher zu untersuchen. Hierzu wurde zunächst ein Teil des Gens für das Maushomolog mittels Polymerasekettenreaktion amplifiziert. Es zeigte sich, daß in der Maus das Protein relativ stark im adulten Kleinhirn sowie im Hippocampus und schwächer im Cortex exprimiert wurde. Im Kleinhirn besitzen vor allem Purkinjezellen die mRNA, in den Granulär- und Körnerzellen kommt sie wesentlich seltener vor. Weitere Untersuchungen zeigten, daß das Protein schon in sehr frühen Stadien der Gehirnentwicklung spezifisch in wenigen Neuronen exprimiert wird, was darauf hindeutet, daß der Kopfaktivator bei der Differenzierung der Nervenzellen des Gehirns und damit für die Physiologie bzw. Pathophysiologie des Gehirns eine Rolle spielt. Daher sind Kopfaktivator und an Kopfaktivatorrezeptor bindende Substanzen von hohem therapeutischen und diagnostischen Wert.

## Ausführungsbeispiel 1

Eine mehrköpfige Mutante von *Chlorhydrus viridissima* (Lenhoff, Science, 148, 1105–1107, 1965) wurde wie von Christians et al. (FEBS Lett. 316, 141–146, 1993) beschrieben kultiviert. Membranpräparationen erfolgten gemäß Neubauer et al. (Mech. Dev. 33, 39–47, 1991). Falls nicht anders beschrieben, wurde der Kopfaktivatorrezeptor in 50 mM MES, pH 6, durch leichten Schütteln (60 min.; 4°C) bei einer Proteinkonzentration von 0,5 mg/ml in Gegenwart von 1% Triton X-100, 1 mM NaCl und Proteaseinhibitoren (1 mM Phenylmethylsulfonylfuorid, 1 mM Pefabloc SC und 1 µg/ml Leupeptin) solubilisiert. Unlösliches Material wurde mittels Zentrifugation (30 min., 100,000 × g) entfernt.

Das Kopfaktivatorpeptid mit der Sequenz Glp-Pro-Pro-Gly-Gly-Ser-Lys7-Val-Ile-Leu-Phe11 (1 mg/ml gequollener Matrix) wurde wie von Hampe et al. (Eur. J. Biochem. 235, 814–820, 1996) beschrieben monomerisiert und an Affi-Gel 10 und 15 (EIO-RAD), CNBr-aktivierte Sepharose 4B, epoxy-aktivierte Sepharose 6B (Sigma) und aktivierte CH-Sepharose 4B (Pharmacia) gekoppelt. Die Präparation der Affinitätsmatrices erfolgte nach Anleitung des Herstellers in wässriger Lösung. Der Anteil des an die Matrix gebundenen Kopfaktivators wurde durch Quantifizierung des Kopfaktivators im Überstand sowie den Waschfraktionen mittels Reverse-Phase-HPLC bestimmt. Zudem wurden Radioimmunoassays unter Verwendung von anti-KA-Antikörpern durchgeführt (Winnikes et al., Eur. J. Cancer 28, 421–424, 1992). Kontrollen wurden sowohl ohne Peptidkopplung als auch mittels Kopplung von Bradykinin an aktivierte CH-Sepharose 4B durchgeführt.

Die Affinitätschromatographie mit kopfaktivator-gekoppelter, aktiverter CH-Sepharose 4B (KA-Sepharose) erfolgte in batches. 100 ml des Solubilisates wurden mit 1,5 ml KA-Sepharose bei 4°C über Nacht geschüttelt. Nach kurzer Zen-

5

10

15

20

25

30

35

40

45

55

60

65

# DE 198 08 258 A 1

trifugation (100 × g) wurde der Überstand entfernt und die KA-Sepharose zweimalig mit 50 ml des Puffers A (75 mM NaCl, 0.1% Triton X-100, 50 mM MES PH 6.0), zweimalig mit 50 ml des Puffers E (2 M NaCl, 0.1% Triton X-100, 50 mM MES PH 6.0), einmalig mit 50 ml 5%iger Ethanollsg. sowie einmalig mit 50 ml 0.1% Triton X-100 gewaschen. Die Elution des kopfaktivator-bindenden Proteins erfolgte durch leichtes 30-minütiges Schütteln der KA-Sepharose bei 4°C  
5 in Gegenwart von 1.5 ml 4 M MgCl<sub>2</sub> / 0.1% Triton X-100 (natives Protein) bzw. 2 M Essigsäure / 0.1% Triton X-100 (komplette Elution des 200 kDa Proteins). Anschließend wurde die Matrix mit 1.5 ml 0.1% Triton X-100 gewaschen und diese Fraktion mit dem ersten Eluat gepoolt. Für Ligandenbindungsstudien wurde dieser Pool gegen 10 mM Ammoniumacetat PH 6.0, 1 mM CaCl<sub>2</sub>, 0.1 mM KCl, 0.1 mM MgCl<sub>2</sub>, 0.1% Triton X-100 dialysiert. Das im Eluat befindliche  
10 200 kDa Protein wurde routinemäßig unter Verwendung von Strataclean-Harz (Stratagene) konzentriert. Dieser wurde mit dem Eluat inkubiert, mit Wasser gewaschen, mit SDS-Probenpuffer gemischt und zur Elektrophorese auf ein SDS/Polyacrylamidgel transferiert.

Die Bindungsstudien wurden wie von Hampe et al. (Eur. J. Biochem. 235, 814-820, 1996) beschrieben durchgeführt. Die Konzentration des nativen kopfaktivator-bindenden Proteins wurde routinemäßig in einem Ligandenbindungsassay unter Verwendung von 1 nM [<sup>125</sup>I-Tyr]-KA-KA Dipeptid als radioaktivem Tracer und 0.5 μM [I-Tyr11]-KA als Kompetitor bestimmt. Gebundener und freier Ligand wurden durch Filtration mittels in 0.3% Polyethylenimin vorbehandelter GF/F Glasfaser-Filter (Whatman) separiert. Zur Bestimmung der Ligandenbindungsaktivität des affinitätsgereinigten Proteins wurden 50 μl Dialysat für jede Tracerkonzentration verwendet. Proteinkonzentrationen wurden unter Verwendung des BCA Proteinassays (Pierce) mit Rinderserumalbumin als Standard bestimmt. Die Proteinkonzentration des Eluates wurde durch Vergleich der Intensität der silbergefärbten Rande im SDS-Polyacrylamidgel mit der von BSA ermittelt.  
20

Die Kohlenhydratdetektion erfolgte mittels eines Glyco-Track Kohlenhydrat-Detektionskits (Oxford Glyco Systems). 30 μl des KA-Sepharose-Eluates wurden einer Elektrophorese unterworfen und auf eine Immobilon-P-Membran (Millipore) in 25 mM Tris, 192 mM Glycin transferiert (1 h, 100 V, 4°C). Auf dem Blot vorhandene Glycoproteine wurden entweder mit 10 mM Periodat (Oxidation aller Saccharide) oder mit 1 mM Periodat (selektive Oxidation der Sialinsäuren)  
25 oxidiert. Die oxidierten Zucker wurden anschließend mit Piotin-Hydrazid gelabelt und mittels Streptavidin-alkalische Phosphatase-Konjugat detektiert. Die enzymatische Deglykosylierung des 200 kDa Proteins erfolgte mit N-Glykosidase F (Boehringer Mannheim) durch Denaturierung des Proteins mit SDS, gefolgt von einer Inkubation in Octylglucosid über Nacht und anschließender Analyse mittels SDS/PAGE und Silberfärbung (Merril et al., Science 211, 1437-1438, 1981) oder Kohlenhydratdetektion.

30 Das essigsäure Eluat der HA-Sepharose wurde konzentriert und einer SDS/PAGE unterworfen. Zur N-terminalen Sequenzierung wurde das Protein wie oben beschrieben geblottet. Für den proteolytischen Verdau wurde die 200 kDa Coomassie Brilliantblau gefärbte Bande gründlich mit Wasser gewaschen und mit Trypsin oder Endoprotease LysC (Eckersdorn und Lottspeich, Chromatographia 28, 92-94, 1989) behandelt. Die resultierenden Peptide wurden mittels Reverse-Phase-HPLC gereinigt und sequenziert (Applied Biosystems 473).

35

40

45

50

55

60

65

## DE 198 08 258 A 1

Tabelle 1

|                          |                |    |
|--------------------------|----------------|----|
| <b>N-Terminus</b>        |                | 5  |
| SAASELPQSTPFS            | Seq. ID No. 3  |    |
| <b>Trypsin-Fragmente</b> |                | 10 |
| SAASELPQSTPFSFND         | Seq. ID No. 4  |    |
| YPNGLAIDYVENR            | Seq. ID No. 5  |    |
| NLQSYITF                 | Seq. ID No. 6  | 15 |
| QYFAVAIAHNNVE            | Seq. ID No. 7  |    |
| <b>LysC-Fragmente</b>    |                | 20 |
| VVTSSSTTHPYSL            | Seq. ID No. 8  |    |
| DVEGYVVSYIDEK            | Seq. ID No. 9  | 25 |
| YHPRNAYYVM               | Seq. ID No. 10 |    |
| TPLRIYGLLTEP             | Seq. ID No. 11 | 30 |
| NDIYWDDWV                | Seq. ID No. 12 |    |
| → RVSNLAFVNQT            | Seq. ID No. 13 | 35 |
|                          |                | 40 |
|                          |                | 45 |
|                          |                | 50 |
|                          |                | 55 |
|                          |                | 60 |
|                          |                | 65 |

DE 198 08 258 A 1

(1) ALLGEMEINE ANGABEN:

(i) ANMELDER:

5 (A) NAME: Evotec BioSystems GmbH  
(B) STRASSE: Grandweg 64  
(C) ORT: Hamburg  
(E) LAND: Deutschland  
(F) POSTLEITZAHL: 22529

10 (ii) BEZEICHNUNG DER ERFINDUNG: Kopfaktivatorbindendes Protein  
oder Polypeptid und Verfahren zur Suche nach funktionalen  
Agonisten oder Antagonisten unter Verwendung von  
kopfaktivatorbindendem Protein oder Polypeptid

15 (iii) ANZAHL DER SEQUENZEN: 13

(iv) COMPUTER-LESBARE FASSUNG:

20 (A) DATENTRÄGER: Floppy disk  
(B) COMPUTER: IBM PC compatible  
(C) BETRIEBSSYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30 (EPA)

25 (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 1661 Aminosäuren  
(B) ART: Aminosäure  
(C) STRANGFORM:  
30 (D) TOPOLOGIE: nicht bekannt

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

40 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

Met Lys Met Ala Tyr Val Arg Ile His Lys Val Ser His Asn Asn Ser  
1 5 10 15

45 Leu Phe Phe Leu Leu Phe Ile Ala Val Phe Gln Phe Val Thr Val Asn  
20 25 30

Val Ser Asn Ala Ser Ser Leu Ser Val Asn Pro Ser Phe Leu Pro Arg  
35 40 45

50 Thr Arg Asp Gly Asn Arg Glu Lys Phe His Ile Lys Ile Asn Val Asn  
50 55 60

55 Glu Glu Phe Asn Ser Thr Pro Lys Asn His Ile Ala Asn Ser Phe Arg  
65 70 75 80

80 Arg Tyr Ile Arg Ser Ala Ala Ser Glu Leu Pro Gln Ser Thr Pro Phe  
85 90 95

90 Ser Phe Asn Asp Ser His Tyr Ile Ala Lys Val His Trp Ser Gly Ser  
100 105 110

115 Asn Ser Ser Thr Ile Leu Ile Leu Met Thr Asp Pro Asp Phe Met Leu  
120 125

DE 198 08 258 A 1

|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| Ser Ser Leu Arg Pro Ser Tyr Phe Tyr Ile Ser Arg Asp Tyr Gly Lys |     |     |     |
| 130   | 135 | 140 |     |
| Thr Phe Lys Asn Tyr Thr Asp Asp Leu Ile Leu Pro Asn Arg Thr His |     |     | 5   |
| 145   | 150 | 155 | 160 |
| Ala Val Val Thr Asp Phe Phe Ser Ser Ala Asp Asn Asn Lys Tyr     |     |     |     |
| 165   | 170 | 175 |     |
| Ile Leu Val Ala Lys Phe His Gln Tyr Ile Phe Gln Ser Asp Asp Glu |     |     | 10  |
| 180   | 185 | 190 |     |
| Trp Asn Ser Phe Gln Arg Val Ala Val Pro Phe Lys Pro Ile Glu Ile |     |     |     |
| 195   | 200 | 205 |     |
| Lys Tyr His Pro Arg Asn Ala Tyr Tyr Val Met Ala Tyr Glu Lys Asp |     |     | 15  |
| 210   | 215 | 220 |     |
| Glu Gly Asn Lys Met Leu Tyr Val Ser Thr Arg Asn Gly Lys Ser Trp |     |     | 20  |
| 225   | 230 | 235 | 240 |
| Gln Tyr Lys Ala Ser Arg Val Val Asn Tyr Phe Trp Gly Tyr Ala Pro |     |     |     |
| 245   | 250 | 255 |     |
| Pro Tyr Asp Phe Gly Ile Asp Leu Tyr Phe Gln Arg Glu Lys Tyr Tyr |     |     | 25  |
| 260   | 265 | 270 |     |
| Asp Tyr Gly Gly Met Val His Lys Ala Ser Pro Trp Gly Phe Phe Ser |     |     |     |
| 275   | 280 | 285 |     |
| Ser Ser Val Ile Ala Tyr Asp Val Val Asp Phe Lys Leu Val Glu Glu |     |     | 30  |
| 290   | 295 | 300 |     |
| Tyr Met Phe Ile Val Lys Asn Gly Thr Asp Pro Thr Tyr Lys Thr Leu |     |     |     |
| 305   | 310 | 315 | 320 |
| Gln Val Ser Val Asn Arg Gly Glu Phe Gln Asn Thr Thr Phe Pro Ile |     |     |     |
| 325   | 330 | 335 |     |
| Gln Asn Ala Leu Ser Tyr Ile Ile Ala Asp Ala Thr Glu Asp Glu Val |     |     | 40  |
| 340   | 345 | 350 |     |
| Met Val Ala Val Ala His Glu Lys Val Ala Asn Leu Tyr Ile Ser Gly |     |     |     |
| 355   | 360 | 365 |     |
| Arg Asp Gly Thr Lys Phe Ser Leu Ser Met Thr Asn Ile Leu Tyr Tyr |     |     | 45  |
| 370   | 375 | 380 |     |
| Asn Glu Asn Asp Gly Arg Lys Arg Phe Phe Glu His Asp Phe Val Glu |     |     |     |
| 385   | 390 | 395 | 400 |
| Leu Tyr Lys Val Glu Gly Ile Ser Gly Ile Tyr Ile Ala Thr Gln Leu |     |     |     |
| 405   | 410 | 415 |     |
| Ser Ser Glu Glu Val Gly Arg Arg Asn Leu Gln Ser Tyr Ile Thr Phe |     |     | 55  |
| 420   | 425 | 430 |     |
| Asp Lys Gly Gly Glu Trp Ser Leu Ile Arg Ala Pro Val Asp Ser Glu |     |     |     |
| 435   | 440 | 445 |     |
| Asn Cys Ser Ile Glu Ser Arg Cys Ser Leu His Ile Ser Leu Glu Phe |     |     | 60  |
| 450   | 455 | 460 |     |
| Gly Tyr His Asn Pro Tyr Thr Arg Phe Thr Pro Ala Phe Ser Lys Lys |     |     |     |
| 465   | 470 | 475 | 480 |

DE 198 08 258 A 1

Ser Ala Pro Gly Phe Ile Ile Ala Thr Gly Ser Val Gly Ser Ser Leu  
 485 490 495  
 5 Thr Ser Ser Pro Ser Val Tyr Phe Ser Ser Asn Ala Gly Ile Ser Trp  
 500 505 510  
 Lys Lys Ile Phe Asp Gly Asn Tyr Tyr Tyr Ala Phe Val Asp His Gly  
 515 520 525  
 10 Gly Val Ile Val Gly Val Glu Lys Tyr Gly Met Thr Ser Tyr Leu Arg  
 530 535 540  
 Tyr Ser Tyr Asp Glu Gly Asn Thr Trp Tyr Ser Tyr Asn Phe Tyr Lys  
 545 550 555 560  
 15 Thr Pro Leu Arg Ile Tyr Gly Leu Leu Thr Glu Pro Gly Glu Lys Thr  
 565 570 575  
 20 Thr Val Phe Thr Leu Phe Gly Ser Leu Pro Glu Ala His Ser Trp Ile  
 580 585 590  
 Val Ile Gln Val Asp Met Lys Leu Val Leu Gly Asn Gln Cys Gln Glu  
 595 600 605  
 25 Lys Asp Tyr Lys Thr Trp Glu Val Thr Asp Leu Arg Asn Ser Thr Gln  
 610 615 620  
 His Cys Leu Leu Gly Lys Lys Gln Ile Tyr Lys Arg Arg Asp Pro Thr  
 625 630 635 640  
 30 Ser Leu Cys Tyr Asn Gly Tyr Asp Tyr Asp Arg Pro Ile Ser Ser Phe  
 645 650 655  
 35 Pro Cys Leu Cys Thr Arg Glu Asp Tyr Asp Cys Asp Phe Gly Phe Lys  
 660 665 670  
 Leu Ser Trp Lys Gly Trp Ser Ser Ile Ser Cys Ala Pro Asp Thr Asp  
 675 680 685  
 40 Asn Ile Phe Ser Ala Asn Gln Thr Ile Pro Ala Trp Cys Lys Pro Gly  
 690 695 700  
 Lys Phe Tyr Asn His Ser Thr Gly Tyr Arg Lys Val Pro Gly Asp Glu  
 705 710 715 720  
 45 Cys Asn Gly Gly Ile Glu Asp Gln Leu Asn Pro Ile Leu Arg Ala Cys  
 725 730 735  
 Pro Ile Lys Lys Ser Ser Glu Tyr Leu Phe Tyr Ser Thr Arg Arg Asn  
 740 745 750  
 50 Ile Tyr Arg Tyr Asp Phe Val Thr Lys Glu Val Ile Glu Phe Asp Leu  
 755 760 765  
 55 Asn Asp Met Lys Asn Val Val Ser Leu Glu Val Asp Tyr Asn Ser Asn  
 770 775 780  
 Val Leu Phe Tyr Ala Asp Ile Met Leu Asp Lys Ile Val Val Met Asn  
 785 790 795 800  
 60 Met Asn Thr Gly Asn Ile Ser Val Leu Leu Gln Met Asn Asn Ser Val  
 805 810 815  
 Val His Ile Glu Ala Leu Ser Tyr Asp Trp Met Asn Gly Asn Leu Tyr  
 820 825 830  
 65

DE 198 08 258 A 1

|   |      |      |      |
|---|------|------|------|
| Tyr Cys Asp Ala Gly Leu Ala Glu Ile Gly Thr Ile Ser Leu Gln Lys |      |      |      |
| 835   | 840  | 845  |      |
| Lys Tyr Arg Lys Val Leu Val Lys Asn Asp Thr Leu Asp Lys Pro Arg |      |      | 5    |
| 850   | 855  | 860  |      |
| Ala Leu Val Leu His Pro Gln Lys Gly Ile Met Phe Trp Thr Asp Trp |      |      |      |
| 865   | 870  | 875  | 880  |
| Gly Leu Asn Pro Lys Val Gly Ser Ala Asn Met Asp Gly Ser Lys Pro |      |      | 10   |
| 885   | 890  | 895  |      |
| Tyr Ser Val Ile Ser Ser Asn Ile Arg Tyr Pro Asn Gly Leu Ala Ile |      |      |      |
| 900   | 905  | 910  |      |
| Asp Tyr Val Glu Asn Arg Leu Tyr Trp Thr Asp Ala Gly Thr Tyr Lys |      |      |      |
| 915   | 920  | 925  |      |
| Ile Glu Ser Ser Asp Leu Asn Gly Gln Asn Arg Lys Val Val Thr Ser |      |      | 20   |
| 930   | 935  | 940  |      |
| Ser Thr Thr His Pro Tyr Ser Leu Thr Ile Leu Lys Asn Asp Ile Tyr |      |      |      |
| 945   | 950  | 955  | 960  |
| Trp Asp Asp Trp Val Thr His Ser Ile Ser Lys Val Asp Lys Lys Ser |      |      | 25   |
| 965   | 970  | 975  |      |
| Ser Ser Ile Glu Thr Val Ile Pro Tyr Ile Tyr Asn Gly Met Asp Val |      |      |      |
| 980   | 985  | 990  |      |
| Lys Ala Tyr Trp Pro Glu Lys Gln Thr Thr Gly Tyr Asn Pro Cys Ser |      |      |      |
| 995   | 1000 | 1005 |      |
| Ser Ser Arg Cys Ser Phe Trp Cys Leu Pro Ile Ala Asp Tyr Pro Gly |      |      | 35   |
| 1010  | 1015 | 1020 |      |
| Tyr Arg Cys Thr Cys Pro Asp Asn Leu Val Asp Asn Gly Asn Gly Asn |      |      |      |
| 1025  | 1030 | 1035 | 1040 |
| Cys Thr Cys Pro Gly Ser Glu Val Tyr Gln Asp Gly Glu Cys Lys Pro |      |      | 40   |
| 1045  | 1050 | 1055 |      |
| Lys Leu Asp Cys Met Asp Asn Gln Phe Lys Cys Thr Asn Gly Asp Cys |      |      |      |
| 1060  | 1065 | 1070 |      |
| Ile Pro Leu Thr Trp Lys Cys Asp Met Asp Thr Asp Cys Asn Asp Ser |      |      | 45   |
| 1075  | 1080 | 1085 |      |
| Ser Asp Glu Asp Lys Asn Ile Cys Asn Lys Val Lys Cys Asn Ala Asn |      |      |      |
| 1090  | 1095 | 1100 |      |
| Gln Phe Thr Cys Ala Asn Asn Arg Cys Leu Pro Ser Leu Ser Trp His |      |      |      |
| 1105  | 1110 | 1115 | 1120 |
| Cys Asp Gly Glu Asn Asp Cys Gly Asp Gly Ser Asp Glu Lys His Cys |      |      | 55   |
| 1125  | 1130 | 1135 |      |
| Ser Asn Cys Thr Glu Ser Thr His Phe Leu Cys Pro Asn Asn Arg Cys |      |      |      |
| 1140  | 1145 | 1150 |      |
| Ile Ser Lys Ser Trp Leu Cys Asp Gly Asp Asn Asp Cys Ser Asp Gly |      |      | 60   |
| 1155  | 1160 | 1165 |      |
| Phe Asp Glu Ala Pro Ala Ile Cys Gly Ala Lys Thr Thr Gln Met Pro |      |      |      |
| 1170  | 1175 | 1180 |      |

# DE 198 08 258 A 1

Tyr Thr Glu Pro Thr Gln Pro Gln Phe Cys Ser Gln Asn Gln Phe Lys  
 1185 1190 1195 1200  
 5 Cys Lys Asn Asn Asn Cys Ile Ala Ser Phe Phe Lys Cys Asn Gly Leu  
 1205 1210 1215  
 Asp Asp Cys Gly Asp Asn Ser Asp Glu Ser Ser Cys Gln Ser Thr Phe  
 1220 1225 1230  
 10 Thr Pro Pro Val Thr Ser Leu Lys Cys Gly Phe Gly Glu Ala Tyr Cys  
 1235 1240 1245  
 Ala Asp Arg Lys Glu Cys Tyr Gln Lys Ile Ser Lys Cys Asp Gly Met  
 15 1250 1255 1260  
 Leu Asp Cys Arg Asp Gly Ser Asp Glu Tyr Asn Cys Lys Thr Met Pro  
 1265 1270 1275 1280  
 20 Thr Thr Pro Ile Val Ser Cys Thr Gly Phe Arg Cys Lys Thr Gly Glu  
 1285 1290 1295  
 Cys Ile Ser Leu Lys Lys Val Cys Asp Thr Arg Lys Asp Cys Pro Leu  
 1300 1305 1310  
 25 Gly Glu Asp Glu Ser Ile Cys Lys Gly Met Leu Asn Asp Val Cys Tyr  
 1315 1320 1325  
 Pro Ala Pro Phe Gly Phe Asn Cys Thr Ile Pro Asp Gly Arg Cys Tyr  
 30 1330 1335 1340  
 Ser His Ser Lys Met Cys Asp Lys Asn Phe Asp Cys Thr Asp Leu Ser  
 1345 1350 1355 1360  
 35 Asp Glu Asp Pro Lys Val Cys Glu Val Thr Lys Arg Val Ser Asn Leu  
 1365 1370 1375  
 Ala Phe Thr Val Asn Gln Thr Ser Val Leu Leu Ser Trp Glu His Pro  
 1380 1385 1390  
 40 Pro Val Lys Leu Lys Asp Val Glu Gly Tyr Val Val Ser Tyr Ile Asp  
 1395 1400 1405  
 Glu Lys Asn Lys Val Thr Glu Ile Pro Ile Gly Leu Gln Lys Ser Tyr  
 45 1410 1415 1420  
 Thr Val Thr Asn Leu Lys Pro Cys Arg Gln Tyr Val Phe Ala Val Ala  
 1425 1430 1435 1440  
 Ile Ala His Asn Asn Val Glu Lys Ile Lys Trp Leu Tyr Thr Ser Thr  
 50 1445 1450 1455  
 Asp Pro Leu Arg Thr Gly Val Arg Lys Pro Glu Gly Ala Tyr Asn  
 1460 1465 1470  
 55 Ile Asp Val Tyr Pro Ser Phe Val Ser Trp Thr Glu Asp Val Gly Asn  
 1475 1480 1485  
 Cys Phe Leu Gln Tyr Glu Ile Ile Tyr Lys Met Leu Lys Cys Asn Gln  
 1490 1495 1500  
 60 Ile Val Asp Glu Ile Met Leu Asp Gly Asp Thr Arg Ile Lys Asn Met  
 1505 1510 1515 1520  
 Asp Ala Leu Leu Ser Tyr Gly Gly Lys Leu Arg Asn Thr Tyr Ser  
 65 1525 1530 1535

DE 198 08 258 A 1

|  |      |      |
|--|------|------|
| Cys Val Ile Leu Ile Ala Tyr Glu Ser Ser Glu Gly Asn Pro Phe Asn    |      |      |
| 1540   | 1545 |      |
| Arg Thr Ser Thr Pro Phe Gln Tyr Thr Pro Val Gly Thr Leu Glu Ala    |      | 5    |
| 1555   | 1560 | 1565 |
| Ala Pro Val Lys Gln Gln Glu Asn His Ser Ser Phe Lys Ser Lys Ala    |      |      |
| 1570   | 1575 | 1580 |
| Ile Ile Trp Gly Ile Pro Val Ala Leu Val Leu Ile Ala Leu Phe Val    |      | 10   |
| 1585   | 1590 | 1595 |
| Gly Leu Phe Val Met Ile Tyr Lys Tyr Arg Arg Leu Gln His Ser Phe    |      |      |
| 1605   | 1610 | 1615 |
| Leu Ala Phe Ala Ala Arg Gly Ser Tyr Ala His Gln Asp Asp Phe Asp    |      |      |
| 1620   | 1625 | 1630 |
| Asp Asp Asn Met Val Val Gly Phe His Ser Gly Glu Asp Ala Pro Met    |      |      |
| 1635   | 1640 | 1645 |
| Ile Asn Arg Phe Ser Asp Asp Glu Pro Leu Val Val Ala                |      |      |
| 1650   | 1655 | 1660 |
| (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 2:                                       |      | 25   |
| (i) SEQUENZKENNZEICHEN:  |      |      |
| (A) LÄNGE: 5839 Basenpaare   |      |      |
| (B) ART: Nucleotid   |      |      |
| (C) STRANGFORM: nicht bekannt                                      |      | 30   |
| (D) TOPOLOGIE: nicht bekannt                                       |      |      |
| (ii) ART DES MOLEKÜLS: cDNA  |      |      |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN   |      | 35   |
| (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:                            |      | 40   |
| GAATTCTCAA ACTTATGACG TCTGAATCAT TTTTAAAATA TGGTATGAAC AAAGTTTCA   |      | 60   |
| ACTCGTTGAT TCGCACAAAC AACTTTATTT TGTTTCGTTT TTTACGATAT CTACAATTGG  |      | 120  |
| TCGTTTGAA ATAAAAAACCC GAAGTTGAAA GATTTTAACT ATTTTAAATG CTTGAGTAGC  |      | 45   |
| GAAAAAAGATA TTTAACAGTA AAATAGAAGT GTCACATTAA TAATTTAAAA ATTCTCAACT |      | 180  |
| TCACCGTTGC TAAAAATCAA ATGCCCTCT TCTGTCTGCA AATGTTGAA GCAATAAAGT    |      | 240  |
| ATCTTTTACC TTAGATATCA CTACACTTCA CAATTATTTA GCTTTACTTA ATTATCTACT  |      | 300  |
| ACTTTAATGT AAGATCACGC TTTTCAACTT AACGGTGGAG ATTTAAATCA CGAGTCCCAG  |      | 50   |
| ATAACAATGA CGTATTTGAA ACTAAGGCAA AAGTGAAC TAATTTATTC ATACATAAAC    |      | 360  |
| ATGAAAATGG CGTACGTGCG CATCCATAAA GTTTCGCATA ATAATTCTCT TTTTTCTTA   |      | 420  |
| CTTTTTATTG CTGTATTCCA GTTTGTAAC GTTAATGTAT CAAATGCTAG TTCCCTTTCT   |      | 480  |
| GTAAACCCAT CATTCTTACC AAGAACGCGT GATGGTAATC GGGAGAAATT TCACATAAAA  |      | 540  |
| ATAAACGTGA ATGAGGAATT TAACTCAACA CCAAAAAATC ACATTGCAA CAGCTTTCGT   |      | 60   |
| CGATACATTC GAAGTGCTGC CTCAGAACTG CCTCAAAGTA CACCATTTTC GTTCAATGAT  |      | 660  |
|  |      | 720  |
|  |      | 780  |
|  |      | 65   |

# DE 198 08 258 A 1

|    |  |      |
|----|--|------|
|    | TCTCATTATA TTGCTAAAGT TCATTGGTCA GGAAGCAACA GCTCAACAAT TCTCATCCTT  | 840  |
| 5  | ATGACTGATC CTGACTTTAT GCTTAGCAGT TTAAGGCCAA GTTATTTTA CATATCACGA   | 900  |
|    | GATTATGGTA AAACTTTAA AACTATACC GATGACCTAA TTCTTCCTAA CAGAACACAT    | 960  |
|    | GCTGTAGTTA CAGATTTTT TTCAAGTAGT GCTGATAATA ATAAATATAT ATTGGTAGCA   | 1020 |
| 10 | AAATTCACC AATATATTT TCAGTCAGAC GATGAGTGGA ATTCCCTTCA ACGAGTTGCT    | 1080 |
|    | GTTCTTTA AACCCATAGA AATAAAATAT CATCCAAGAA ATGCTTATTA TGTTATGGCT    | 1140 |
|    | TATGAAAAAG ATGAAGGAAA CAAAATGTTA TATGTGTCAA CCAGGAATGG CAAATCATGG  | 1200 |
| 15 | CAATACAAAG CTTCTAGAGT TGTCAATTAT TTCTGGGGGT ATGCGCCACC CTATGACTTT  | 1260 |
|    | GGAATTGATC TTTACTTCA AAGAGAAAAG TATTATGATT ATGGCGGAAT GGTCCATAAA   | 1320 |
|    | GCATCTCCGT GGGGTTTCTT TTCTTCAAGT GTTATTGCAT ATGATGTTGT TGATTCAAG   | 1380 |
| 20 | CTTGTGAGG AATACATGTT TATTGTGAAA AATGGAACAG ACCCAACGTA TAAAACATTG   | 1440 |
|    | CAAGTTCCG TAAACAGAGG CGAGTTCAA AATACTACAT TTCCTATTCA AAATGCATTG    | 1500 |
| 25 | AGCTACATTA TTGCAGATGC AACTGAAGAT GAGGTAATGG TGGCAGTTGC ACATGAAAAA  | 1560 |
|    | GTAGCCAATC TATATATCTC TGGAAGAGAT GGAACTAAGT TTAGTTGTC GATGACAAAC   | 1620 |
|    | ATCTTGTATT ATAATGAAAA TGATGGCAGG AAAAGGTTTT TTGAACATGA TTTTGTGGAG  | 1680 |
| 30 | TTATACAAAG TTGAAGGAAT CTCTGGTATT TACATTGCTA CACAATTATC TAGTGAAGAA  | 1740 |
|    | GTGGGTCGGA GGAATCTTCA ATCATATATA ACCTTTGATA AAGGAGGAGA GTGGTCACTT  | 1800 |
| 35 | ATCAGGGCTC CTGTGGATTG TGAAAATTGC AGCATAGAAA GTAGATGCTC ACTGCATATC  | 1860 |
|    | TCATTAGAGT TTGGTTATCA TAATCCATAC ACTCGATTCA CACCTGCTTT TTCAAAGAAA  | 1920 |
|    | TCTGCTCCTG GTTCATAAT TGCTACTGGA AGTGTGGTA GCAGTCTAAC CTCATCCCC     | 1980 |
| 40 | TCTGTTACT TTTCAAGTAA TGCTGGAATC AGTTGGAAGA AGATCTTGA TGGTAATTAC    | 2040 |
|    | TATTACGCCT TTGTTGATCA TGGTGGTGTG ATAGTAGGTG TTGAAAAGTA TGGCATGACA  | 2100 |
|    | TCTTATCTTC GATATAGCTA TGATGAAGGG AATACATGGT ATTCATACAA TTTTTACAAG  | 2160 |
| 45 | ACACCATTAA GAATCTATGG TTTGTTAACCA GAACCTGGAG AAAAAACTAC AGTGTTCACA | 2220 |
|    | CTTTTGGAT CTTTGCCTGA AGCACATTCT TGGATTGTTA TACAAGTTGA CATGAAGCTT   | 2280 |
| 50 | GTTTTGGTA ATCAATGCCA GGAAAAAGAT TATAAGACCT GGGAGGTAAC AGACCTGCGT   | 2340 |
|    | AACAGTACTC AACACTGTT ACTTGGTAAA AAGCAAATAT ACAAGCGTCG TGACCCAATC   | 2400 |
|    | TCACTATGTT ACAATGGATA TGATTATGAC CGTCCCATACT CTTCCCTTCC ATGTCTTGC  | 2460 |
| 55 | ACCAGGGAAAG ATTATGACTG TGATTTGGT TTCAAATTAT CTTGGAAAGG ATGGTCTAGT  | 2520 |
|    | ATTTCTTGTG CTCCTGACAC AGACAACATT TTTCTGCTA ATCAGACCAT TCCTGCCTGG   | 2580 |
| 60 | TGCAAACCAAG GAAAATTTA CAATCATTCT ACTGGATACC GCAAAGTCCC TGGTGATGAA  | 2640 |
|    | TGCAATGGTG GCATCGAAGA TCAATTAAAC CCCATACTTC GTGCATGTCC AATAAAAAAG  | 2700 |
|    | TCATCTGAAT ACTTGTGTTA CTCAACAAGA AGAAACATT ACCGCTATGA TTTTGTACA    | 2760 |
| 65 | AAAGAGGTGA TTGAGTTGA CTTGAATGAC ATGAAAAATG TGGTATCTCT GGAAGTTGAT   | 2820 |

# DE 198 08 258 A 1

|   |      |    |
|---|------|----|
| TACAACCTCAA ATGTGTTGTT TTACGCTGAT ATCATGCTTG ACAAAATTGT CGTTATGAAT  | 2880 |    |
| ATGAATACAG GCAATATTTC TGTACTTTG CAAATGAACA ATTGGTTGT TCATATAGAA     | 2940 |    |
| GCTCTTCAT ATGATTGGAT GAATGGCAAT CTGTACTTATT GTGATGCAGG ATTGGCAGAA   | 3000 | 5  |
| ATAGGAACAA TAAGTTACA AAAAAAATAT AGAAAAGTTC TTGTAAAAAA TGATACATTA    | 3060 |    |
| GATAAACCCA GGGCTTTGGT ACTGCATCCT CAAAAGGCA TTATGTTTG GACAGATTGG     | 3120 | 10 |
| GGCCTTAACC CAAAAGTTGG TCTCGAAAC ATGGATGGTT CGAAACCCCTA CTCGTATATA   | 3180 |    |
| TCTAGTAATA TCAGATATCC AAATGGTCTT GCTATTGATT ATGTTGAAAA CAGGCTTTAT   | 3240 |    |
| TGGACTGATG CTGGTACTTA TAAAATTGAA TCATCTGATT TAAATGGACA AAATCGAAAG   | 3300 | 15 |
| GTTGTGACAT CAAGCACAAAC GCATCCTTAT TCACTAACAA TATTAACAA TGACATTTAT   | 3360 |    |
| TGGGATGACT GGGTTACACA CTCCATATCT AAAGTTGATA AGAAGTCATC GAGCATTGAA   | 3420 | 20 |
| ACTGTAATTG CATACTTTA CAACGGAATG GATGTGAAAG CATATTGCC TGAAAAACAA     | 3480 |    |
| ACCACAGGTT ACAACCCATG CAGTTCATCC AGATGTAGTT TTTGGTGTGTT GCCTATTGCT  | 3540 |    |
| GATTACCCAG GGTACCGATG TACTTGCCT GACAATCTTG TTGATAATGG AAATGGCAAC    | 3600 | 25 |
| TGCACATGCC CAGGATCTGA GGTCTATCAA GATGGGGAGT GCAAACCAAA GTTAGATTGC   | 3660 |    |
| ATGGATAATC AGTTTAAATG TACTAATGGC GATTGCATTC CGTGTACTTG GAAGTGTGAT   | 3720 |    |
| ATGGATACTG ATTGCAATGA TTCATCAGAT GAAGACAAAA ATATATGCAA TAAAGTAAAG   | 3780 | 30 |
| TGCAACGCTA ACCAATTCAC ATGTGCAAAT AACGTTGTT TACCAAGTTT GTCATGGCAT    | 3840 |    |
| TGTGATGGTG AAAATGATTG TGGGGATGGT AGTGATGAAA AACATTGTT TAACTGTACA    | 3900 | 35 |
| GAAAGCACCC ATTTCTTATG CCCGAATAAT CGATGTATTCTAAATCTTG GCTTTGTGAT     | 3960 |    |
| GGAGATAATG ACTGTTCTGA TGGTTTGAT GAAGCTCCTG CTATCTGTGG AGCAAAACT     | 4020 |    |
| ACTCAAATGC CATACACCGA ACCCACACAG CCACAAATTCT GCTCACAGAA TCAATTCAA   | 4080 | 40 |
| TGCAAAATA ACAATTGTAT TGCTTCTTT TTCAAATGTA ATGGATTAGA TGATTGTGGA     | 4140 |    |
| GATAACTCAG ATGAGAGCTC TTGTCAATCC ACATTCACCC CACCAAGAAC ATCACTTAA    | 4200 | 45 |
| TGTGGTTTG GTGAGGCGTA TTGTGCAGAT CGTAAAGAGT GTTATCAAAA AATATCCAAA    | 4260 |    |
| TGTGATGGTA TGCTTGATTG TCGAGATGGC TCTGATGAAT ATAATTGTA AACCATGCCA    | 4320 |    |
| ACCACACCAA TAGTTCCCTG TACTGGTTT AGATGCAAAA CTGGTGAATG CATTCACTA     | 4380 | 50 |
| AAAAAAAGTTT GTGACACGAG AAAGGATTGT CCTTTAGGGG AAGATGAGAG TATCTGCAA   | 4440 |    |
| GGAATGTTAA ATGACGTTTG CTACCCCTGCG CCCTTTGGTT TCAATTGCAC TATAACCTGAT | 4500 |    |
| GGCCGATGCT ACTCACACAG TAAAATGTGT GATAAAACT TTGACTGTAC AGATCTTCA     | 4560 | 55 |
| GACGAAGATC CTAAAGTCTG CGAGGTCACT AAGAGGGTAT CAAATCTAGC CTTTACCGTT   | 4620 |    |
| AATCAAACCTT CAGTTTGTGTT ATCGTGGAA CATCCTCCTG TTAAATTAAA GGATGTTGAG  | 4680 | 60 |
| GGATATGTGG TTTCTTACAT TGATGAAAAA AATAAAAGTTA CCGAAATACC AATTGGTCTT  | 4740 |    |
| CAGAAGTCTT ACACAGTTAC AAACCTTAAA CCTTGAGAC AGTATGTGTT CGCAGTTGCC    | 4800 |    |
| ATCGCTCATA ATAATGTTGA AAAGATTAAG TGGTTATACA CTTCAACTGA TCCCTTGCAG   | 4860 | 65 |

DE 198 08 258 A 1

|    |   |      |
|----|---|------|
|    | ACCGGGGGGG TTAGAAAACC TGAGGGAGCT TATAATATTG ATGTTATCC ATCATTGTT   | 4920 |
| 5  | TCTTGGACAG AAGATGTAAG AAATTGCTTT CTTCAATATG AAATAATATA CAAAATGTTG | 4980 |
|    | AAATGTAATC AAATAGTTGA CGAAATAATG TTGGATGGAG ATACTAGAAT TAAAAATATG | 5040 |
|    | GATGCACTAT TACTCAGTTA TGGTGGAAAA CTTCGAAACA CGTACAGTTG CGTTATTTG  | 5100 |
| 10 | ATCGCATATG AATCTTCTGA AGGAAATCCC TTTAACGTA CATCCACGCC ATTCAGTAC   | 5160 |
|    | ACACCTGTTG GAACTTTGGA AGCAGCTCCT GTAAACAAAC AAGAAAATCA CAGTTCTTC  | 5220 |
|    | AAATCAAAGG CCATTATATG GGGTATTCCA GTAGCATTGG TACTGATTGC TCTGTTGTT  | 5280 |
| 15 | GGGTTATTTG TTATGATTAA CAAATACCGA CGTTTACAGC ACAGTTTTT GGCGTTCGCG  | 5340 |
|    | GCACCGCGAA GTTACGCGCA TCAAGATGAT TTTGACGATG ATAATATGGT CGTGGGTTTT | 5400 |
|    | CACTCAGGTG AGGACGCCCG GATGATCAAT CGCTTCTCAG ACGATGAGCC CCTTGTTGTC | 5460 |
| 20 | GCTTAAATTG TTGATGAAAA AATATTCCT CTTCTCATAC TTTGCACATG AATTTGTT    | 5520 |
|    | GAAATGTTTT TAACTTTTT GTAAAAATGG GGGAAAGCATT AGTATTTTT AAAGCGTTCT  | 5580 |
| 25 | TTGAAAGGAA AAAACTTTT TTTAAACTCG TATTAATTAT GCTAATTAAT CTTGAAATA   | 5640 |
|    | TTTCTGGTTC TTTGCATTG TAATTGTATT CTCGATGTT TGAAGTTAAT TTTCTTTGG    | 5700 |
|    | AGTTTTCTAC GTCCGTCTAC GGTGCTACG GCGTCTACAG CGTTGTGGAT ATTACATCT   | 5760 |
| 30 | AAAATGTCAG CATCGTTCT AGCAATTGTT TTATGAATT ATGAAATTAA TATCTTGTGT   | 5820 |
|    | AAAGTTTTAC TAATTTAA   | 5839 |

35 (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 3:

- (i) SEQUENZKENNZEICHEN:
  - (A) LÄNGE: 13 Aminosäuren
  - (B) ART: Aminosäure
  - (C) STRANGFORM:
  - (D) TOPOLOGIE: nicht bekannt
- (ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTISENSE: NEIN

50 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Ser | Ala | Ala | Ser | Glu | Leu | Pro | Gln | Ser | Thr | Pro | Phe | Ser |
| 1   |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |

55 (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 4:

- (i) SEQUENZKENNZEICHEN:
  - (A) LÄNGE: 16 Aminosäuren
  - (B) ART: Aminosäure
  - (C) STRANGFORM:
  - (D) TOPOLOGIE: nicht bekannt
- (ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTISENSE: NEIN

DE 198 08 258 A 1

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

Ser Ala Ala Ser Glu Leu Pro Gln Ser Thr Pro Phe Ser Phe Asn Asp  
1               5                           10                           15                           5

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 13 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM:
- (D) TOPOLOGIE: nicht bekannt

10

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

20

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

Tyr Pro Asn Gly Leu Ala Ile Asp Tyr Val Glu Asn Arg  
1               5                           10

25

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 8 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM:
- (D) TOPOLOGIE: nicht bekannt

30

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

40

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

Asn Leu Gln Ser Tyr Ile Thr Phe  
1               5

45

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 13 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM:
- (D) TOPOLOGIE: nicht bekannt

50

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

60

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

Gln Tyr Phe Ala Val Ala Ile Ala His Asn Asn Val Glu  
1               5                           10

65

DE 198 08 258 A 1

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 8:

- 5           (i) SEQUENZKENNZEICHEN:  
              (A) LÄNGE: 12 Aminosäuren  
              (B) ART: Aminosäure  
              (C) STRANGFORM:  
              (D) TOPOLOGIE: nicht bekannt

10          (ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid

15          (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

19          (iv) ANTISENSE: NEIN

15          (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

20          Val Val Thr Ser Ser Thr Thr His Pro Tyr Ser Leu  
              1                   5                                   10

20          (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 9:

- 25           (i) SEQUENZKENNZEICHEN:  
              (A) LÄNGE: 13 Aminosäuren  
              (B) ART: Aminosäure  
              (C) STRANGFORM:  
              (D) TOPOLOGIE: nicht bekannt

30          (ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid

35          (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

39          (iv) ANTISENSE: NEIN

35          (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

40          Asp Val Glu Gly Tyr Val Val Ser Tyr Ile Asp Glu Lys  
              1                   5                                   10

40          (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 10:

- 45           (i) SEQUENZKENNZEICHEN:  
              (A) LÄNGE: 10 Aminosäuren  
              (B) ART: Aminosäure  
              (C) STRANGFORM:  
              (D) TOPOLOGIE: nicht bekannt

50          (ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid

55          (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

59          (iv) ANTISENSE: NEIN

55          (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

60          Tyr His Pro Arg Asn Ala Tyr Tyr Val Met  
              1                   5                                   10

60          (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 11:

- 65           (i) SEQUENZKENNZEICHEN:  
              (A) LÄNGE: 12 Aminosäuren  
              (B) ART: Aminosäure  
              (C) STRANGFORM:  
              (D) TOPOLOGIE: nicht bekannt

DE 198 08 258 A 1

|   |    |
|---|----|
| (ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid                   |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN                        | 5  |
| (iv) ANTISENSE: NEIN                            |    |
| (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:        |    |
| Thr Pro Leu Arg Ile Tyr Gly Leu Leu Thr Glu Pro | 10 |
| 1 5 10  |    |
| (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 12:                   |    |
| (i) SEQUENZKENNZEICHEN:                         | 15 |
| (A) LÄNGE: 9 Aminosäuren                        |    |
| (B) ART: Aminosäure                             |    |
| (C) STRANGFORM:                                 |    |
| (D) TOPOLOGIE: nicht bekannt                    | 20 |
| (ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid                   |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN                        |    |
| (iv) ANTISENSE: NEIN                            | 25 |
| (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:        |    |
| Asn Asp Ile Tyr Trp Asp Asp Trp Val             | 30 |
| 1 5   |    |
| (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 13:                   |    |
| (i) SEQUENZKENNZEICHEN:                         | 35 |
| (A) LÄNGE: 12 Aminosäuren                       |    |
| (B) ART: Aminosäure                             |    |
| (C) STRANGFORM:                                 |    |
| (D) TOPOLOGIE: nicht bekannt                    | 40 |
| (ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid                   |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN                        |    |
| (iv) ANTISENSE: NEIN                            | 45 |
| (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:        |    |
| Arg Val Ser Asn Leu Ala Phe Thr Val Asn Gln Thr | 50 |
| 1 5 10  |    |

Patentansprüche

1. Kopfaktivator-bindendes Protein oder Polypeptid, erhältlich durch Isolierung aus Chlorohydra viridisima durch Anreicherung und Reinigung mittels chromatographischer Methoden, insbesondere Affinitätschromatographie mit Kopfaktivator als Affinitätsligand sowie Charakterisierung des erhaltenen Proteins oder Polypeptids durch Eindringen von Kopfaktivator.
2. Kopfaktivator-bindendes Protein oder Polypeptid nach Anspruch 1, als komplexe Anordnung von mindestens einem kopfaktivator-bindenden Protein oder Polypeptid mit mindestens einem weiteren Protein oder Polypeptid.
3. Kopfaktivator-bindendes Protein nach Anspruch 1, mit der in Seq. ID No. 1 genannten Aminosäuresequenz.
4. Kopfaktivator-bindendes Protein oder Polypeptid, welches mindestens innerhalb der kopfaktivator-bindenden Domäne in mindestens einer Teilsequenz zu mindestens 90%, insbesondere zu mindestens 95%, homolog zu der Teilsequenz der kopfaktivator-bindenden Domäne der in Anspruch 3 genannten Aminosäuresequenz ist.
5. Kopfaktivator-bindendes Protein oder Polypeptid nach Anspruch 4, wobei die Teilsequenz aus mindestens 20 Aminosäuren besteht.
6. Verfahren zur Suche nach funktionalen Agonisten oder Antagonisten als Wirkstoff durch Bestimmung der Bin-

# DE 198 08 258 A 1

dungseigenschaften der in Frage kommenden Wirkstoffe oder in einer Probe befindlichen möglichen Wirkstoffe mit einem Protein oder Polypeptid nach einem der Ansprüche 1 bis 5.

- 5        7. Verfahren nach Anspruch 6 zur Suche nach Wirkstoffen, die zur Therapie von mit neurodegenerativen Erscheinungen verbundenen Erkrankungen eingesetzt werden, durch Bestimmung der Eindungseigenschaften der in Frage kommenden Wirkstoffe oder in einer Probe befindlichen möglichen Wirkstoffe mit einem Rezeptor und/oder durch Messung einer rezeptorvermittelten Veränderung in der zellulären Signalübertragung, dadurch gekennzeichnet, daß als Protein oder Polypeptid nach einem der Ansprüche 1 bis 5 ein Kopfaktivator-bindender Rezeptor oder Rezeptorkomplex eingesetzt wird und die agonistische oder antagonistische Wirkung im Vergleich zum Kopfaktivator oder zu Derivaten des Kopfaktivators getestet wird.
- 10      8. Verfahren nach einem der Ansprüche 6 und/oder 7, dadurch gekennzeichnet, daß das Kopfaktivator-bindende Protein oder Polypeptid in löslicher oder membranassozierter Form vorliegt.
- 15      9. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 6 bis 8, dadurch gekennzeichnet, daß ein aus Coelenteraten, insbesondere Hydra ssp. oder Anthopleura ssp., oder aus Säugern, insbesondere dem Hypothalamus des Menschen oder des Rindes, isolierter Kopfaktivator verwendet wird.
- 20      10. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 6 bis 9, dadurch gekennzeichnet, daß das Kopfaktivator-bindende Protein oder Polypeptid mindestens eine der im folgenden aufgeführten Domänen und/oder mindestens eine zu diesen Domänen homologe Domäne und/oder Kombinationen hiervon aufweist: VPS10, LDLR-B, EGF, LDLR-A, FIII, TM und IC.
- 25      11. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 6 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß sich die Kopfaktivator-bindende Domäne des Proteins oder Polypeptids außerhalb oder innerhalb mindestens einer der Domänen vom Typ VPS10, LDLR-B, EGF, LDLR-A, FIII, TM und IC und/oder mindestens einer zu diesen Domänen homologen Domänen befindet.
- 30      12. Verfahren nach Anspruch 11, dadurch gekennzeichnet, daß ein Kopfaktivator-bindendes Protein mit einer Anordnung der zu folgenden Domänen homologen Domänen verwendet wird:
- 35      – VPS10-Domäne, gefolgt von  
          – sechs LDLR-E-Domänen,  
          – einer EGF-Domäne,  
          – sieben LDLR-A-Domänen,  
          – zwei Domänen vom FIII-Typ,  
          – einer TM-Domäne und  
          – einer IC-Domäne.
- 40      13. Verfahren nach Anspruch 12, dadurch gekennzeichnet, daß ein Kopfaktivator-bindendes Protein mit der in Anspruch 3 genannten Aminosäuresequenz verwendet wird.
- 45      14. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 6 bis 13, dadurch gekennzeichnet, daß ein Kopfaktivator-bindendes Protein oder Polypeptid verwendet wird, welches mindestens innerhalb der Kopfaktivator-bindenden Domäne in mindestens einer Teilsequenz zu mindestens 90%, insbesondere zu mindestens 95%, homolog zu der Teilsequenz der Kopfaktivator-bindenden Domäne der in Anspruch 3 genannten Aminosäuresequenz ist.
- 50      15. Verfahren nach Anspruch 14, dadurch gekennzeichnet, daß die Teilsequenz aus mindestens 20 Aminosäuren besteht.
- 55      16. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 6 bis 15, dadurch gekennzeichnet, daß das Kopfaktivator-bindende Protein oder Polypeptid aus Hydra ssp. oder Säugergewebe isolierbar ist.
- 60      17. Wirkstoff erhältlich durch ein Verfahren nach einem der Ansprüche 5 bis 16.
- 65      18. cDNA mit der in Seq. ID No. 2 genannten Sequenz kodierend für ein Kopfaktivator-bindendes Protein gemäß einem der Ansprüche 1 bis 5.
- 70      19. Fragmente der Kopfaktivator-bindenden Proteine oder Polypeptide mit den in Seq.ID No. 3-13 genannten Aminosäuresequenzen.

Hierzu 3 Seite(n) Zeichnungen

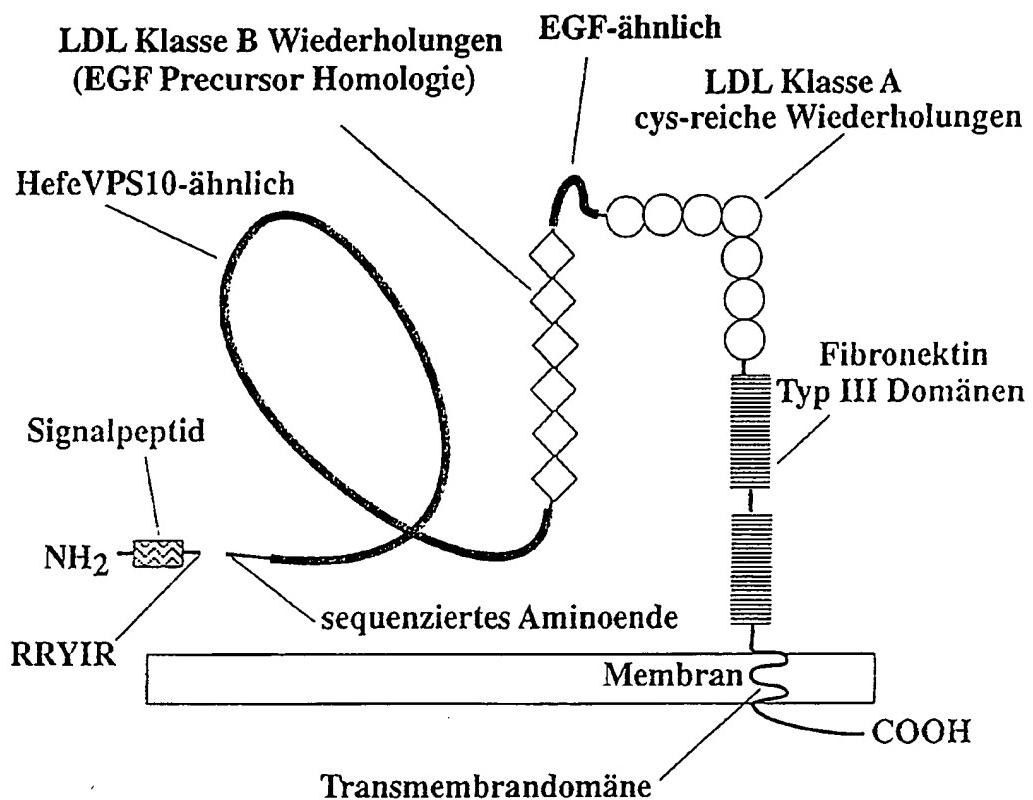
50

55

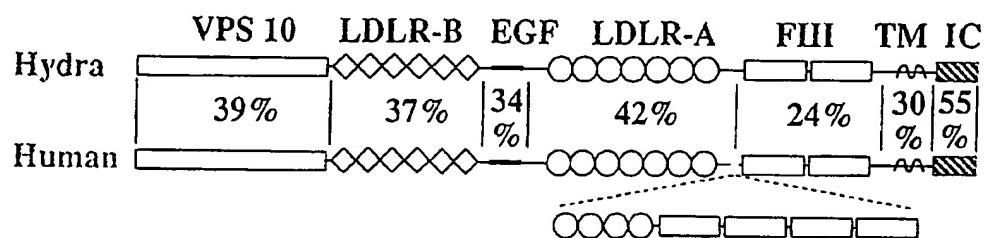
60

65

**- Leerseite -**



Figur 1



Figur 2

| signal peptide   | protease site | N-terminus    |
|--|---------------|---------------|
| MK MAYVRIKVSHANNSSLFFLFLIAVFQFVTVNSNASSLSVNPSPFLPRTRDGNGREKFHKIKINVNEEFFNSTPKNHIA<br>SHYIAPKTYWNSGSNSSTILIMTDPDFMLSSLRPSYFYISRDYGKTKPQNYTDDILLPNRTTHAVVTDFFSSADNNKTYILVAKFHQYIFQSDEWNSFQRVA  | X             | X             |
| VPFKPPIEIKYTHPRNAYYMAYEKDEGNKMLVSTRNGKSWQYKASRVVNTYFWGYAPPYDFGIDLYFOREKYYDYGGMVHKASPWGFFSSSVIAYDVDFK   | 300           | 200           |
| LVEEMMFIVRKNGTDPTYKTLQVSNRGEFQNTTPIONALSYIADATEDEVKA<br>LYKEGISGIYIATQLSSEEVGRRLNQSYITFDKGGEWSLTRA<br>SUYESSNAGISWKKIFDGNYYYAFVDHGGVIVGVKEYKGMTSYLRYSYDEGNTWYSYNFYKTPLRIYCLLITEPEGEKTTVFTLFGSLPEAHWSIVIQVDMKL  | 400           | 400           |
| VLGNCQEQEDYKTWETDLRNSTQHLLGKQKIQYKARDPTEI<br>CPGKFYNHSTGGYRKVPGDEFQNGGIEDQLNPILRA<br>MNTGNISVLLQMNNSVVHIEALSYDWGNLYCDEGLAEIGTIISLQQKRYKVLVXNDLDKPRVILVHPQKGIVFNTD:GLANPKVGSA<br>SSNIIRYPNGLAIDYVENRLWTFDAGTYKIESSDLNGQNKRKVUTTSSTHPYSTLILKNDIYVDE  | 500           | 500           |
| TCYNPCSSSRCSFWCLPDIADYPGYRCTCPDNLYDNGNGX<br>CNANQFTCANRCLPSLWHCDGENDCGDS<br>CKNNCIASFFKCNGLDDCGNSDESSCQSTTPPPVTSLKCGFGEAYCADRKECYQKISKXCDGMUDCRD<br>KKVCDTRKDCCPGLDEDICKGMINDVCYPAFPFGFCNTIPDGRCYSHSKMCDNFCDTDL<br>GIVVSYIDEKRNKVTETPIGLQKSYTUTNLKPCROYTFAVAIAHHNVEKIKWLYTSTDPLRTGGVRKPEGAYNIDVYPSFSWTTEDGNCFLQYEIIYKML<br>KCNQIVDEIMLGDTRIKMDALLSYGGKLRTNTYSCVILIA<br>GLFVMIKYKRRLOHSFLAFAARGSYAQDDDDNNMVVGFHSGGEDAPMINRFSDEPLVVA | 600           | 600           |
| 6x B   | 7x A          | transmembrane |

Figur 3